

consensus -a--a-g--c-t-----a-ga-c-aa--g-a-tt-----c-tg-ac-ca--

US-09-462- 794 gtaATTttagagatAtttAaataatgcccTgttagaATGctgTttagAACagGgcattCagttc
US-09-462- 794 actTtccAcgtcACcaatccaggtgagTactgtctGtagaagAAagccGcaagcctctat

consensus -t-a-a-a-t-a-a-g-a-c-t-

US-09-462- 855 ggAcaaatcgaacccctTagtattcttGgaltctgaccaTgtGatbtaCtgcTAtttGc
 US-09-462- 855 ctAcgcgtccattgtttTtcgcgatGgaacgCttagtTgatbtaCtgcGcGcAaaaAcctCt
 US-09-462- 1

consensus --ac-----tt-----g-----c-----tg--c--g--c-----a-----c-

[illegible]

consensus -t-----c-tg-t-a-t-aaa-agcgcgGGGg--A-tataacccccgcgcT----a

US-09-462- 977 gcatgttcacatcctaatttacaccbaatacccccgcgccaagcgctalcgtttacaTcttat
| | | | | | | | | |
US-09-462- 977 accttGctaaCccgcgtTgctClataaatggttccttcaatcgccgttgTGcttCaclc

consensus ---t-tg-a-c-----t--c-a-a--g---c-c-----c--t-c-tc---

US-09-462- 1038 gaaTATcttgccCAgGgcggagGccttGGAgtgtCTAACCCGGcCGaaGgccgggaacATA
US-09-462- 1038 | | | | | | | | | |
US-09-462- 1038 tgaACTCagagacCAgaggaAgGcGcgCGaatgttttaAGcgcGatCGatccctaactT
US-09-462- 32

consensus -a-t-c-----a-g-c-g-ga-----g-c-----g-----a-t-

US-09-462-	1099	tgaTcgagTtaTcgGCGGCCCAcaATaAagaTtccattTgAtaagaACgaatctctt
US-09-462-	1099	gctcTatgcTatacttTgGsaCGaggtTtgCacctTcaactTgcccAcagCaCctccaagga
US-09-462-	32	

consensus -g-t---t---g-gg-c-a---t-a---t---t---a---ac-----g--

US-09-462- 1160 acttTgcttgcaagtGacCGcaaccacttCCacGtcaaccAAlcCaqTgtagcCTTgctg
 US-09-462- 1160 ttcacTcaacttgaagacCGtgcgcgacTgCaagattGAagacTcTtcttgGaaTgaca
 US-09-462- 32

consensus
---t-c-----g-cg-----t-ca-g-----aa-c-g-t-----g-tg---

US-09-462- 1221 GagaagaAaagccgaacGcCtataACGtCAtttGttTtttgcGAtcgaAGcgtCA
US-09-462- 1221 GgattaccttgagccGacCCctgtgtTtCCaGaaCaagaATagagctActtcttCGaagA
US-09-462- 32

consensus
g-----a-----g-c-c-----t-cg-c-a-----g-t-----c-a--g--cg---ga

```

US-09-462- 1282  gttGATctgg
                |
US-09-462- 1282  acgGgTgctt
US-09-462- 32

```

consensus - - - g - t - - - -

Alignment score = -5956.00

Scoring matrix:

189

1 | 319 -6276

8 -6276

9

[illegible]

US-09-462- 977 accTGTGctAaCcccgCTlgGtAtaAtgGgttCtCcatcgcgcgClgTgTCActc
consensus ----T-TG--A-C-----T---C-A--A---G-----C-C-----C---T-C-TC----

US-09-462- 1038 gaAtaTcTcTgcCCAGgCcGAggCcCtGgGAggttgctAcCCGgCcGgaGgcgggaaCAATa
US-09-462- 1038 tgAactAcGagaCAgagaAgaGgCgCcGAtgtgttaagGcGAtcGagtccttaActt
consensus --A--T-C-----CAG-----A--G-C-G-GA-----G--C---G-----A-T-

US-09-462- 1099 tGaATcGagTtAtGgCcGgCCCAcaATaAagaTtccATtGgAtaagaACgaatctGt
US-09-462- 1099 gGctcTgtctAtaagttggGgacGAggttTgCAccttcaactTgccaGacacCctccaaga
consensus -G--T---T---G---GGG-C-A--T--A--T---T---A-----AC-----G--

US-09-462- 1160 actTgCtGcagtgGagCcgaaccaacttTCAgGtcaCCAtcCagTgagTgactTgctg
US-09-462- 1160 ttcaTccacttgaaGacCCgtcgcgactTgCAAgattgAAgaCtcttcttggGaatGaca
consensus ----T-C-----G--CG-----T-CA-G-----AA--C-G-T-----G--TG---

US-09-462- 1221 GagaagAAagccgcaagCcttatactAcCGtccatttGttTtgcGcGAtcgaAGgctGA
US-09-462- 1221 GgattcAcctgagccGacCCgtgtTtCCaCgAacaGaatagagaCtactcttCgaagGA
consensus G-----A-----G-C-C-----T-CCG-C-A--G--T-----C-A--G--CG---GA

US-09-462- 1282 gttGatctgg
US-09-462- 1282 acgGgTgctt
consensus ---G-T----

Alignment score = 319.00

Scoring matrix:

	1	8
1		
8		
	319	